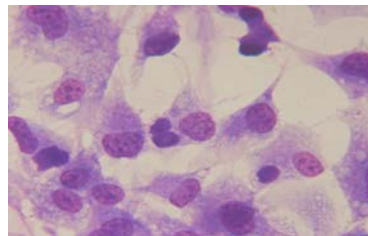


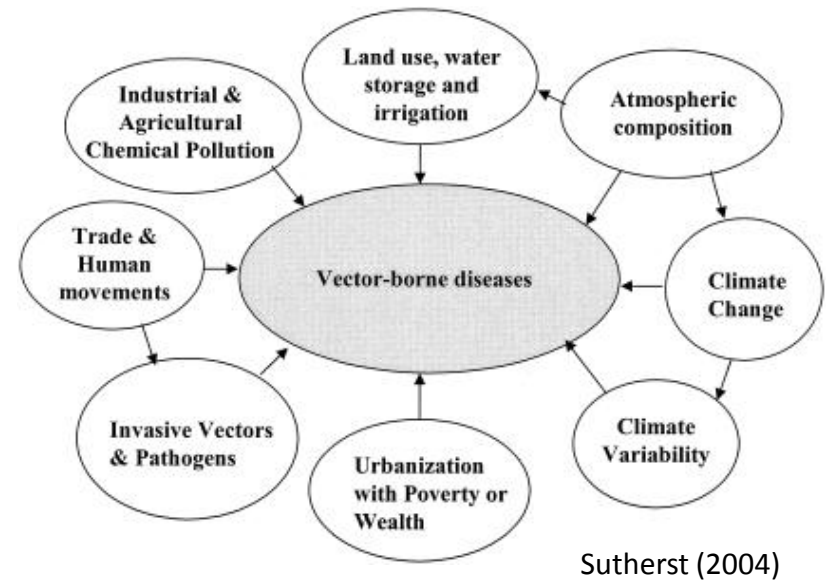
Association vecteur-pathogène : étude de la co-structuration entre la tique vectrice *Amblyomma variegatum* (Acari: Ixodidae) et la Rickettsie *Ehrlichia ruminantium*

K. Huber, N Vachieri, H. Adakal, N Cangi, J Gordon, N Haddad, L das Neves and F. Stachurski



Activités humaines

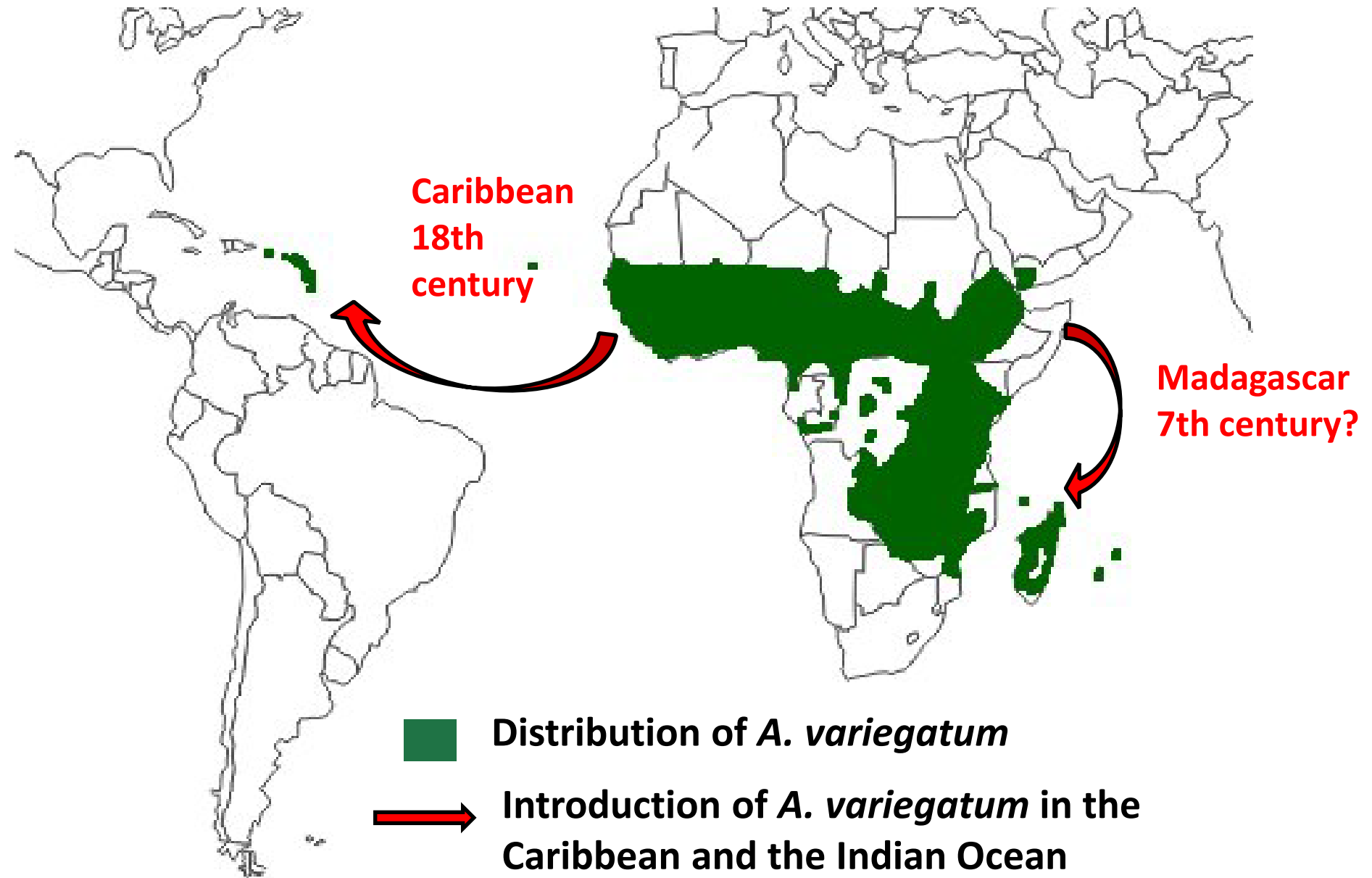
- Altération des écosystèmes : affecte des cycles de transmission des maladies vectorielle
- Changement dans les régimes de migration (activités humaines)
- Réchauffement climatique, effet des activités humaines sur les paysages → augmentation du nombre d'habitats favorables
- Changements environnementaux influent sur la structure génétique des hôtes, des pathogènes et des vecteurs

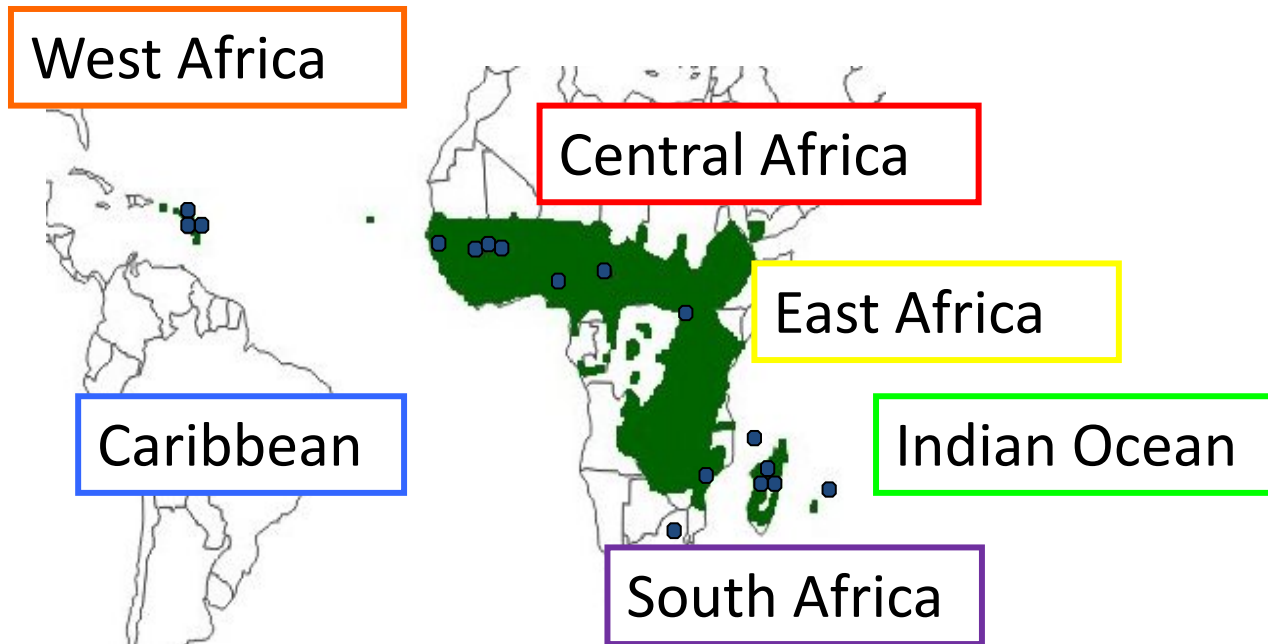


Amblyomma variegatum et *Ehrlichia ruminantium*

- *Amblyomma variegatum* : tique dure de la familles des Ixodidae qui affecte les ruminants domestiques et sauvages
- Pertes économiques : prédation sanguine (pertes de poids, diminution de la production laitière) et blessures dues à leur action vulnérante
- Principal vecteur d'*Ehrlichia ruminantium* rickettsie responsable de la cowdriose, une maladie tropicale des ruminants







- Distribution of *A. variegatum*
- Collection sites

Amblyomma variegatum

408 pb of the mtDNA 16s rDNA
433 pb of the mtDNA cytochrome b

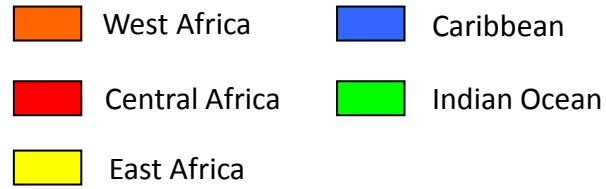
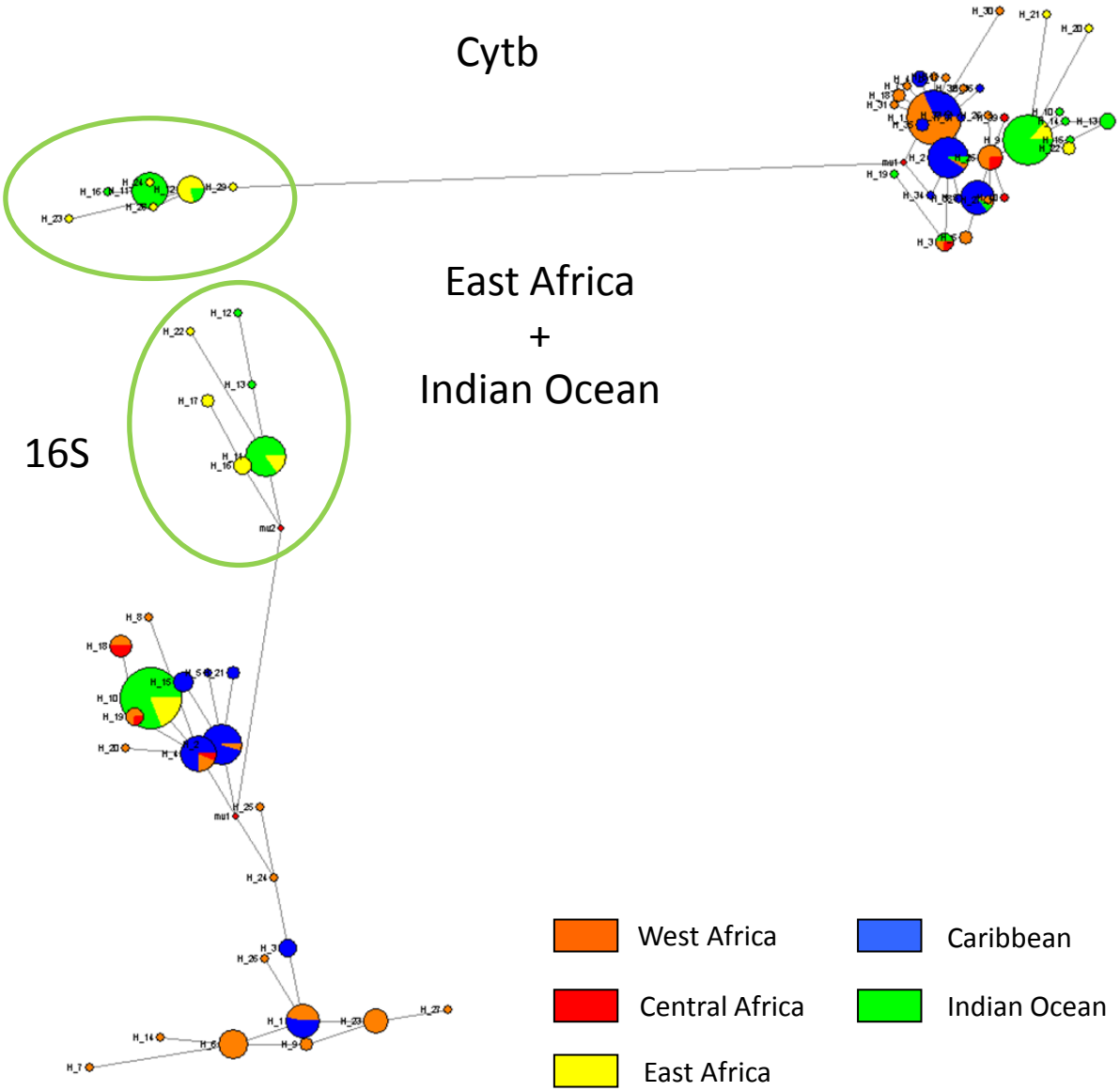


Ehrlichia ruminantium

Multi-Locus Sequence Typing (5 housekeeping genes)

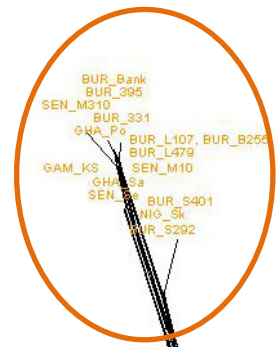
Amblyomma variegatum

Cytb

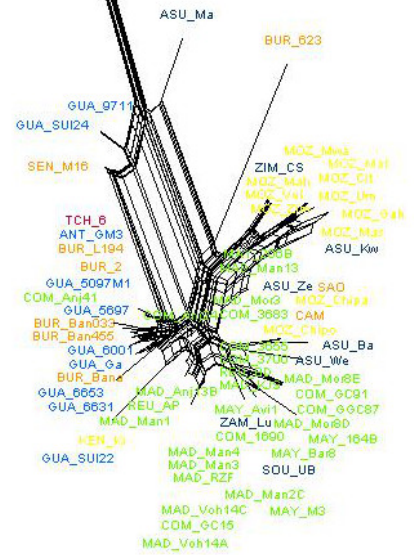


Median joining networks

Ehrlichia ruminantium



West Africa



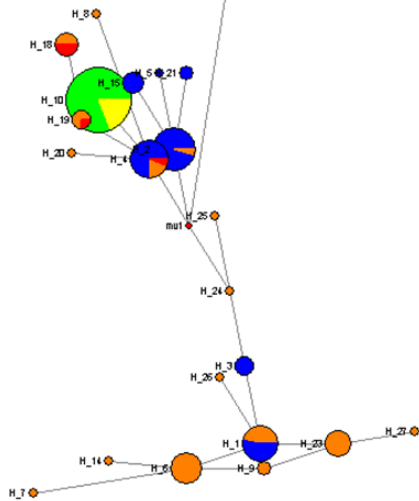
Split decomposition neighbor-net

Amblyomma variegatum

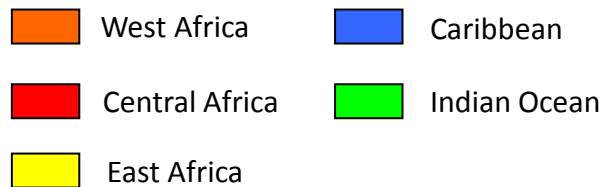
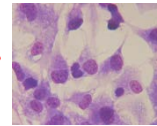
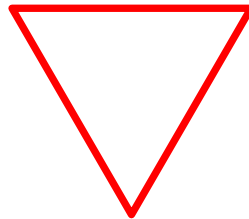
Cytb

East Africa
+
Indian Ocean

16S

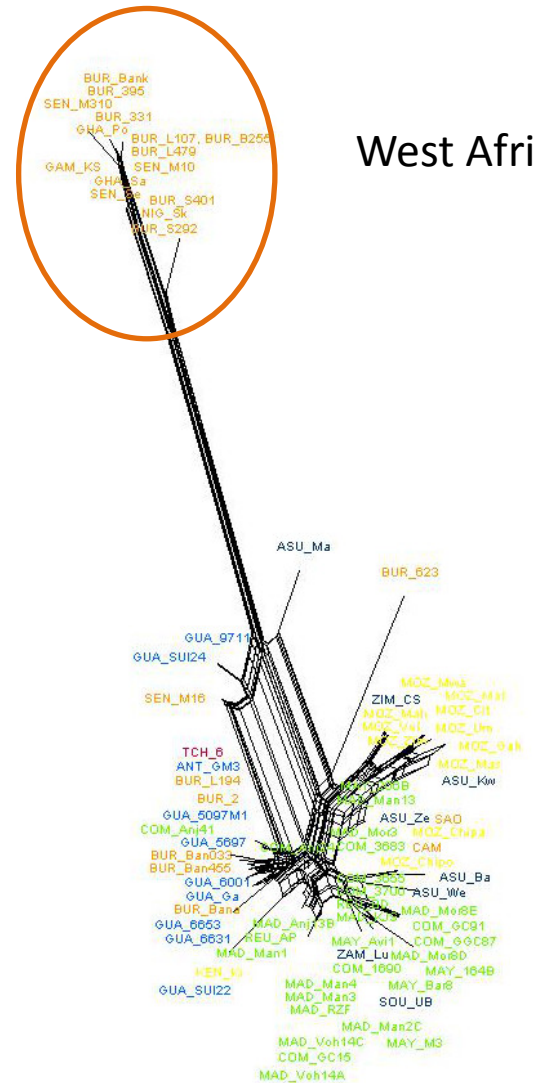


Median joining networks



Ehrlichia ruminantium

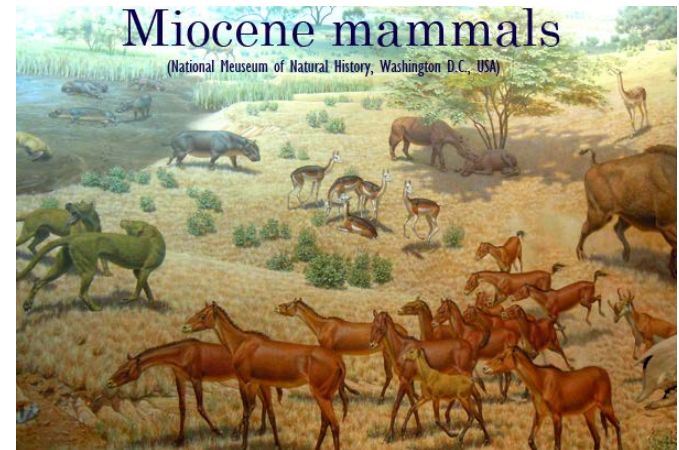
West Africa



Split decomposition neighbor-net

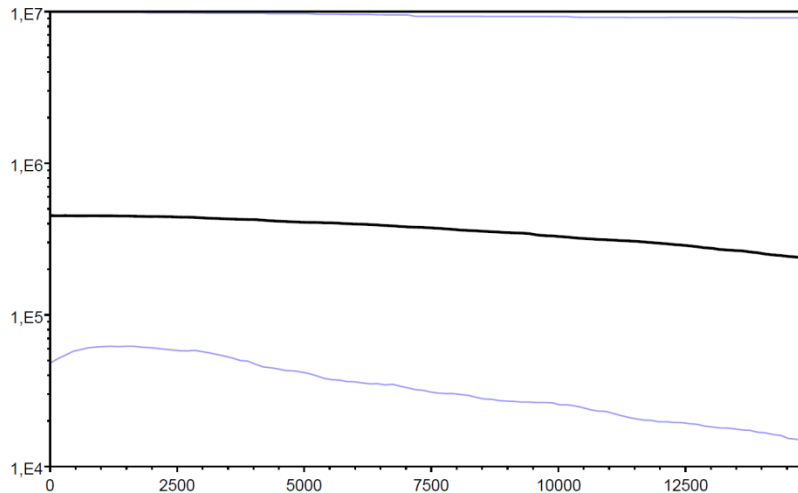
A. variegatum : divergence lignée mondiale – lignée Afrique de l'Est

- Essais de datation par inférence bayésienne (BEAST). 16S+Cytb
- Calibration à partir de données fossiles et moléculaires (Jeyaprakash et Hoy, 2009)
- → Miocène 12,8 Ma [5,6 Ma; 23,4 Ma]
- Evolution des premiers bovidés (antilopes, bovins, ovins) à partir de petits ruminants primitifs.

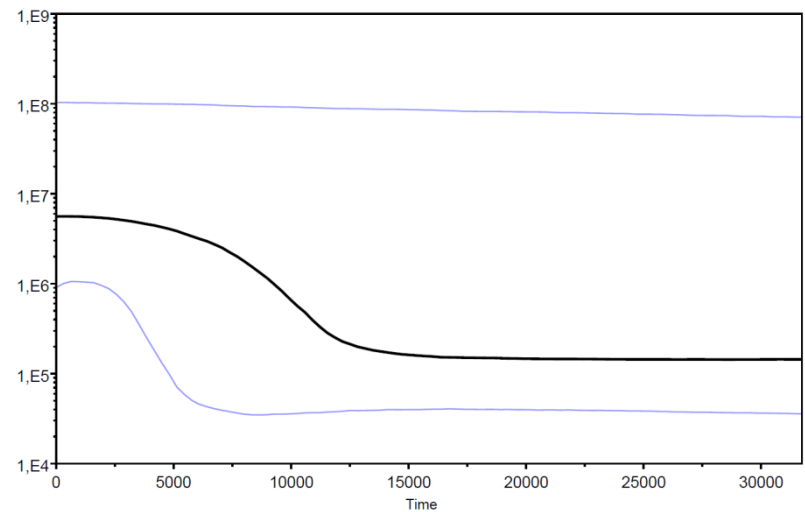


A. variegatum : histoire démographique

Bayesian skyline plot (BEAST). 16S+Cytb



Lignée "Afrique de l'Est"

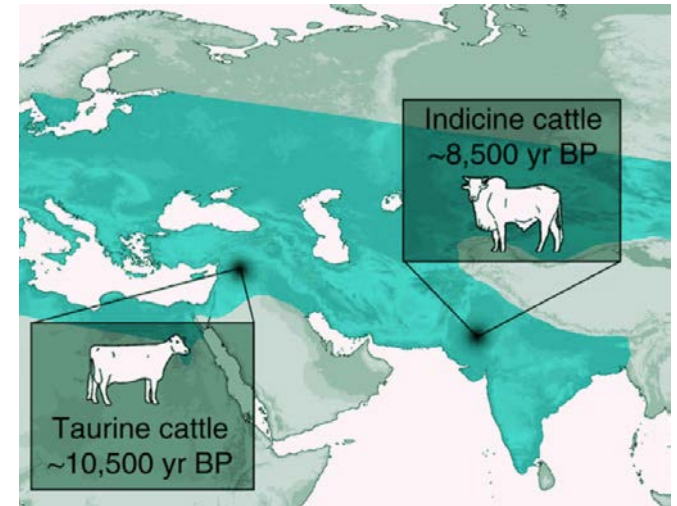


Lignée "mondiale"

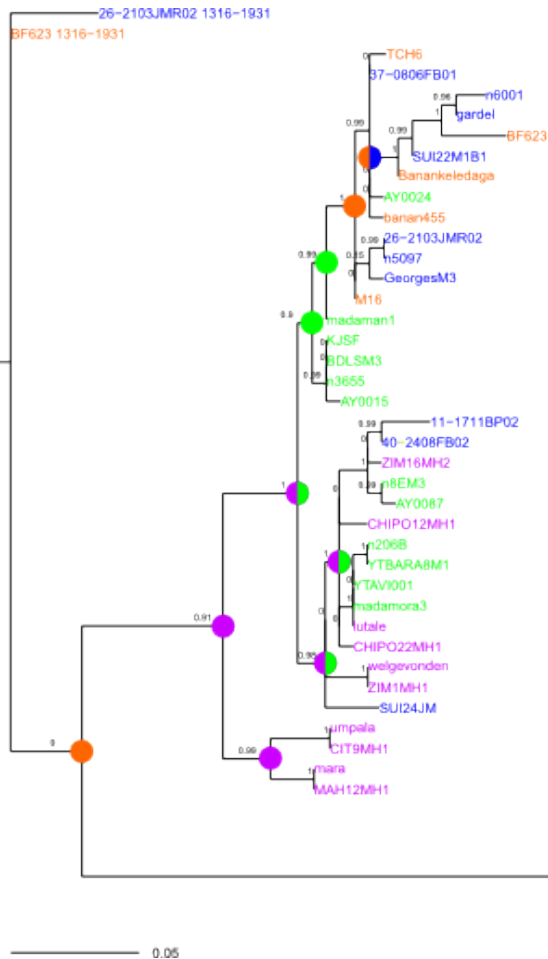
→ Lignée mondiale : expansion démographique depuis 10000 ans

Domestication des bovins

- Premières traces archéologiques : 8800 ans avant JC dans le croissant fertile et 7300 ans avant JC dans la vallée de l'Indus
- Evènement indépendants de domestication de deux sous-genres d'aurochs : *Bos primigenius taurus* (bovins taurins) et *Bos primigenius indicus* (zébus)

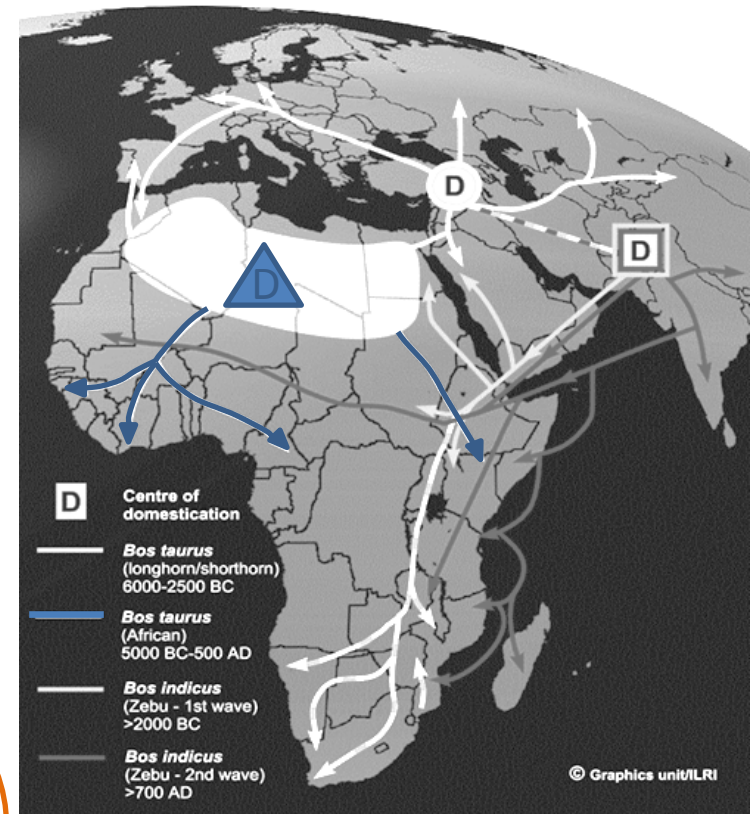


MLST
ML
TPM1uf+I



- West/Central Africa
- Southern Africa
- Indian Ocean
- Caribbean

Origin and migration routes of domestic cattle in Africa



Ehrlichia ruminantium

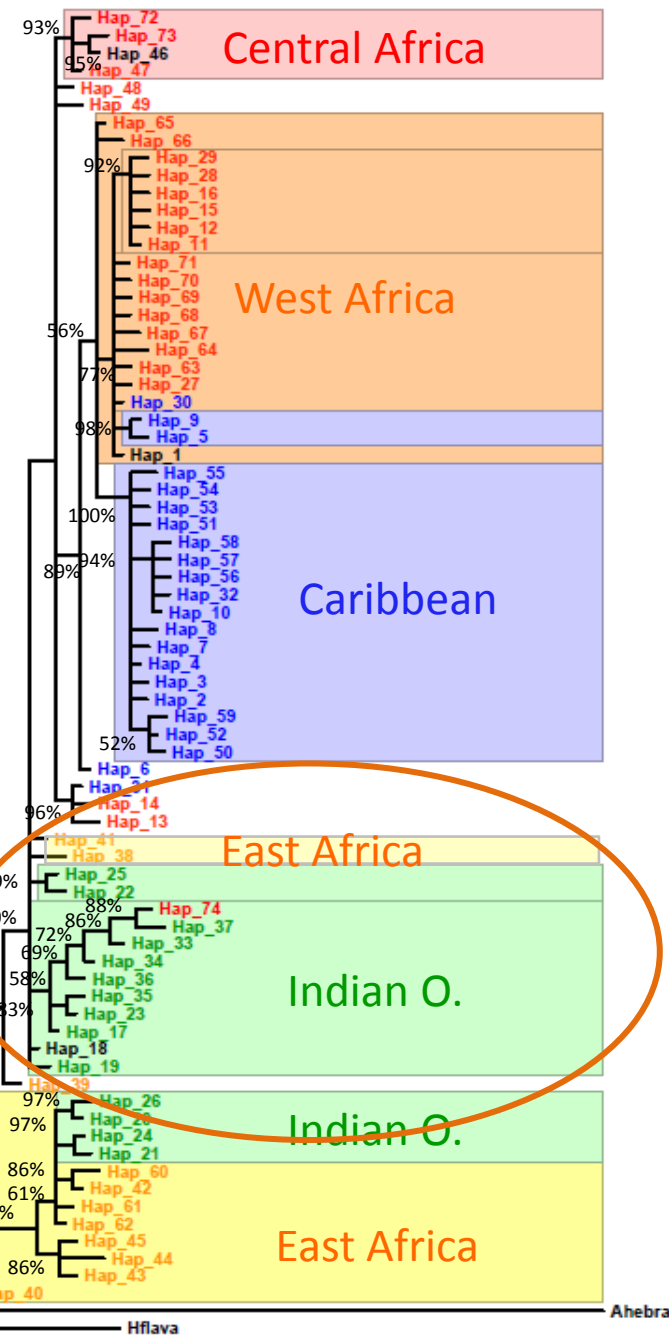
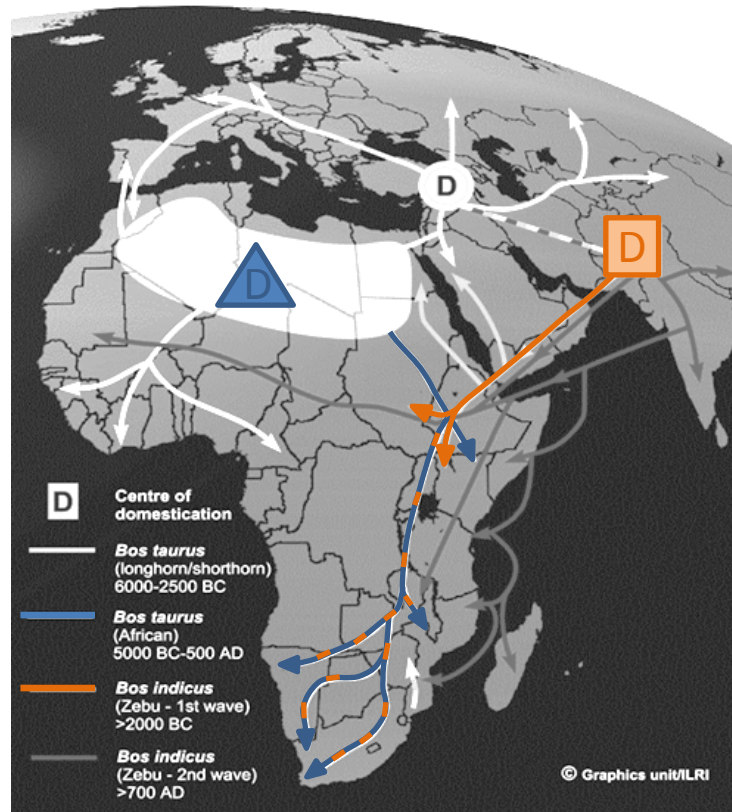
16S + Cytb

Bayesian inference

HKY+GTR

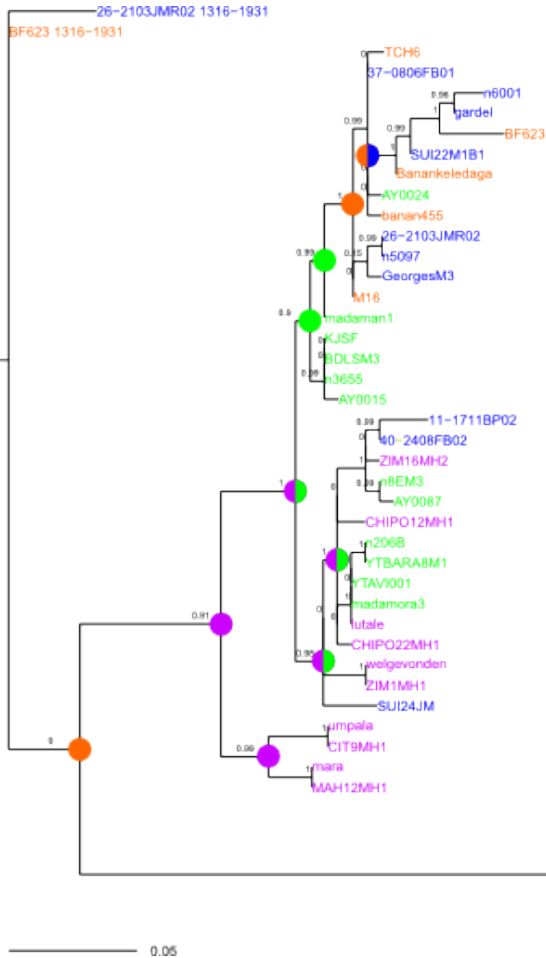
Amblyomma variegatum

Origin and migration routes
of domestic cattle in Africa



MLST
ML
TPM1uf+l

16S Fst = 0.29647
P = **0.00098**
Cytb Fst = 0.36853
P = **0.01466**



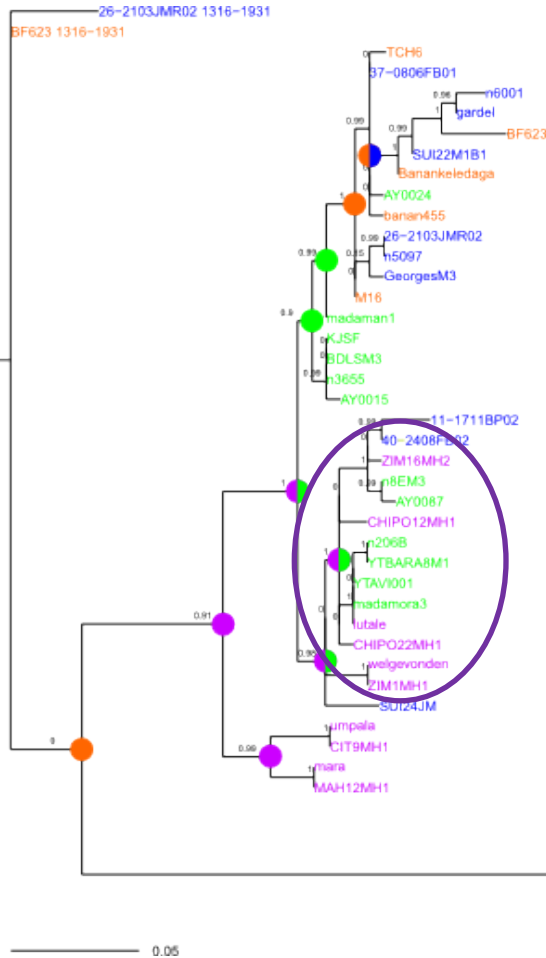
- West/Central Africa
- Southern Africa
- Indian Ocean
- Caribbean



Ehrlichia ruminantium

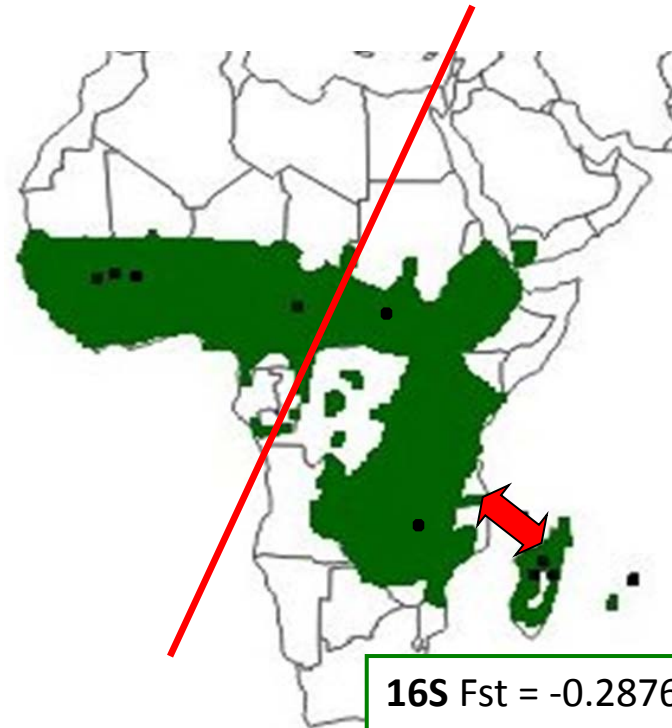
Amblyomma variegatum

MLST
ML
TPM1uf+l



Ehrlichia ruminantium

16S Fst = 0.29647
P = **0.00098**
Cytb Fst = 0.36853
P = **0.01466**



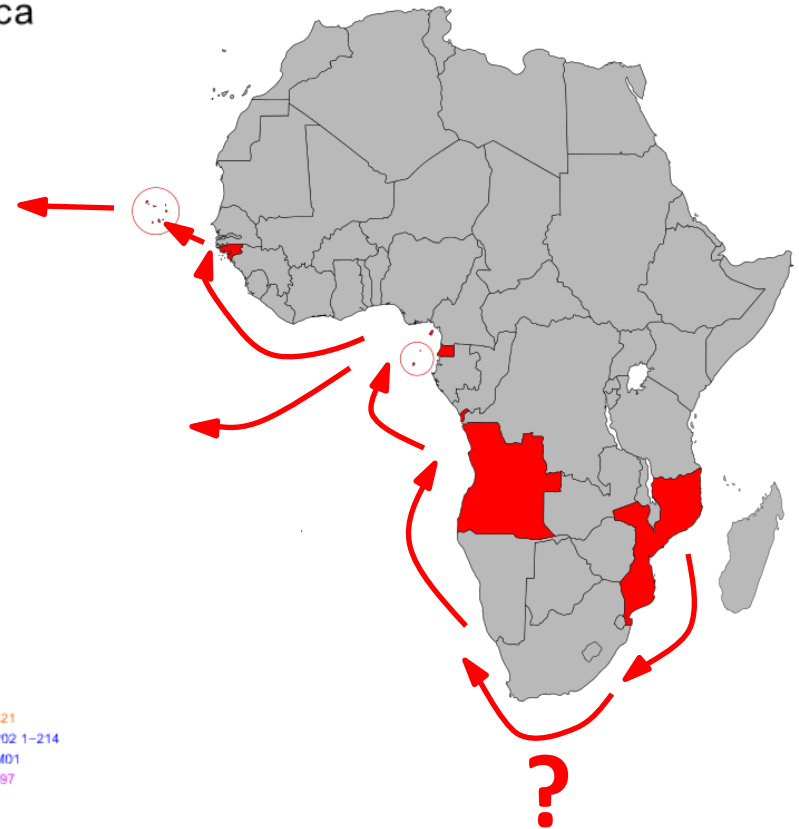
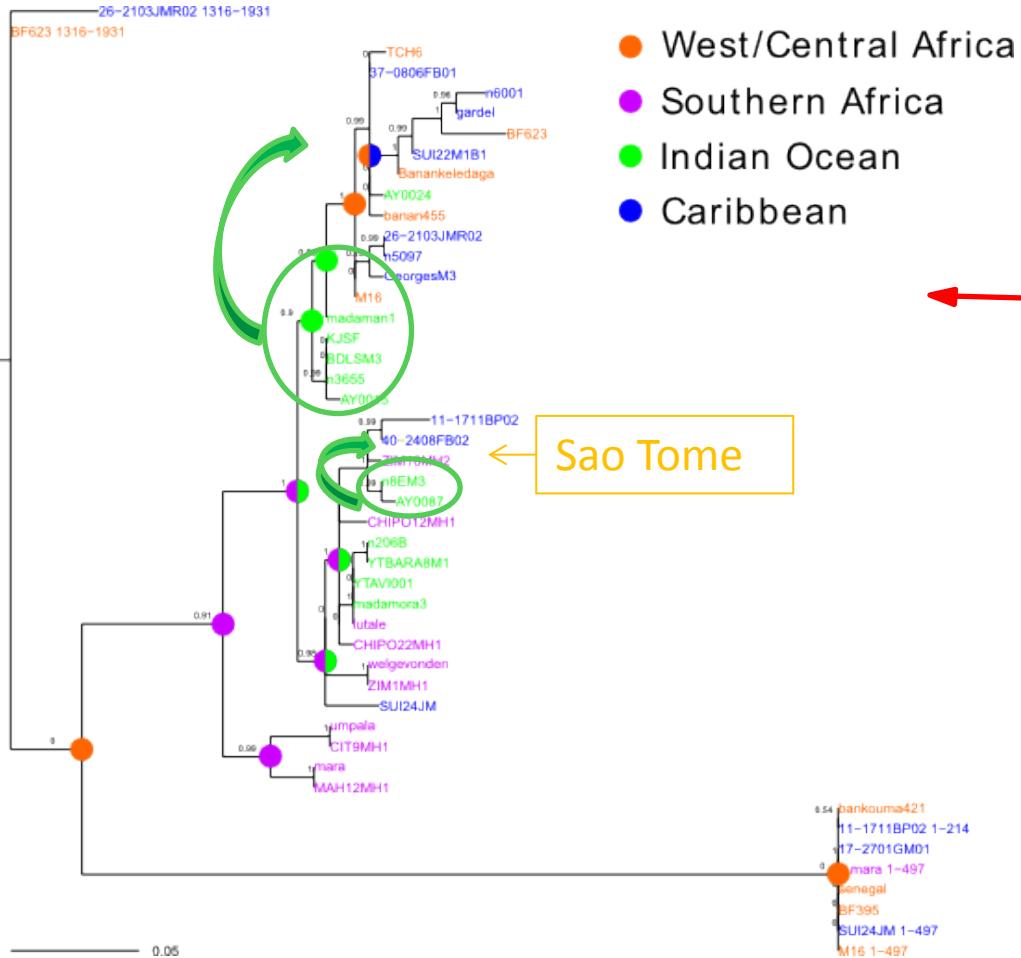
16S Fst = -0.28769
P = 0.90909
Cytb Fst = -0.23937
P = 0.69404

Amblyomma variegatum

TPM1uf+I



MLST
ML
TPM1uf+l

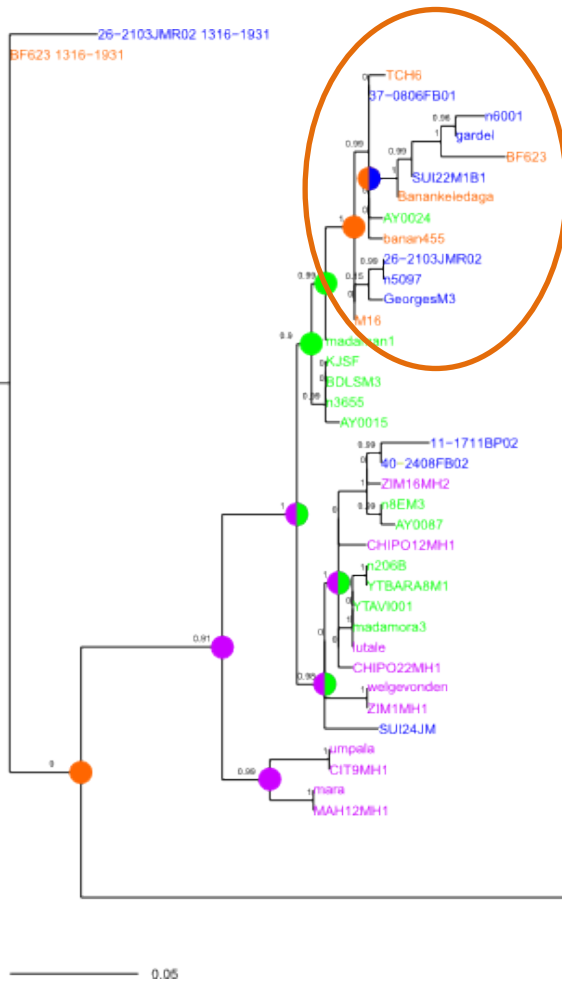


Ehrlichia ruminantium

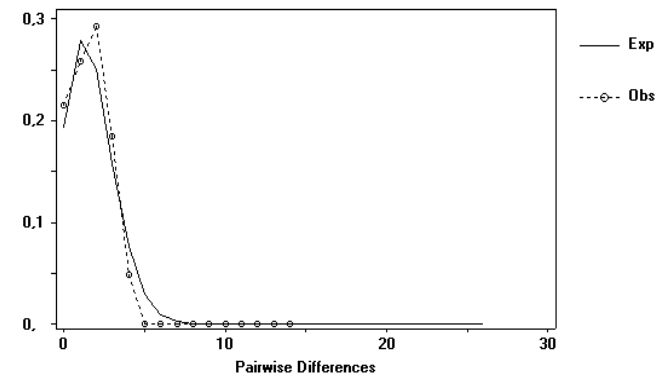
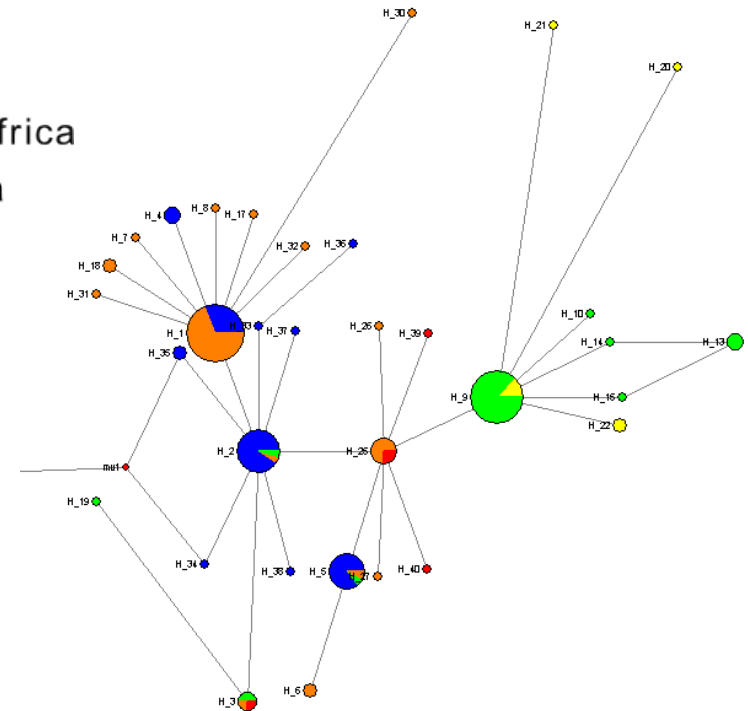
Hypothesis : Portuguese colonies and trade posts

MLST
ML
TPM1uf+I

Median joining networks (Cytb)



- West/Central Africa
- Southern Africa
- Indian Ocean
- Caribbean

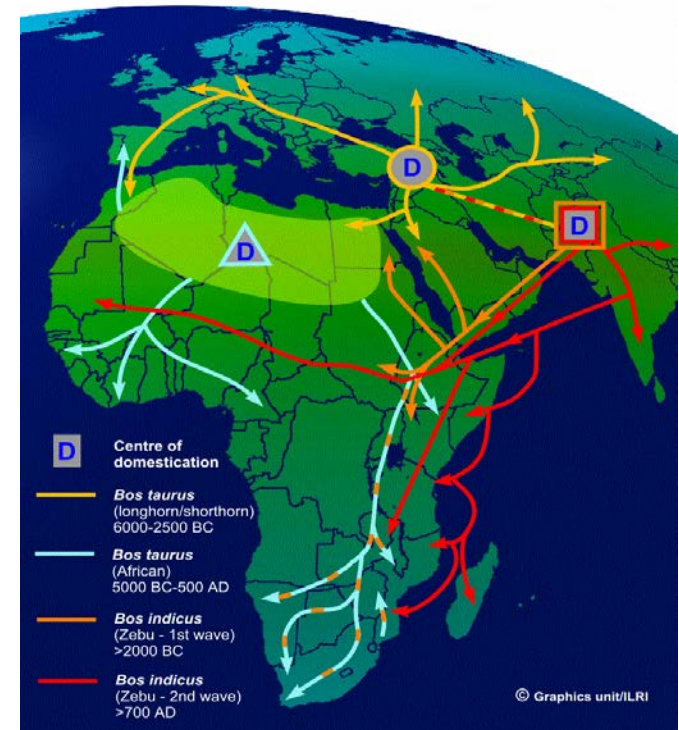


Ehrlichia ruminantium

Amblyomma variegatum

Conclusion

- Manque apparent de congruence entre *A. variegatum* et *E. ruminantium*
- Mais une histoire commune en relation avec les mouvements de bovins (à confirmer par datation pour *E. ruminantium*)
- Interactions complexes entre hôte, pathogène et vecteur : nombreuses étapes des processus évolutifs nécessaires à leur adaptation mutuelle



Acknowledgments

This work was granted by :

GIS-CRVOI (projet DIGEERAV-OI)

INRA AIP Bio-Ressources 2008 et CIRAD-INRA

Fundings EU projects

FEDER project « Gestion des risques en santé animale et végétale »

EPIGENESIS project "European Union's Seventh Framework Programme for research, technological development and demonstration under grant agreement No 31598

We also thank R. Pegram, M. Frebling, M. Asnaoui, M. Saimo, A. Boulanger, and M.R. Jaumally for tick samples collection

